



Cytoscape-String app(free) 이용

Protein-Protein Interaction Analysis

e-biogen, Inc.

E-Biogen Inc.
(07282) #305, AceHighTechCity 2, 25, Seonyu-ro 13-gil, Yeongdeungpo-gu, Seoul, Korea
TEL : 82-2-3141-0791, FAX : 82-2-3141-0792

★ 주의

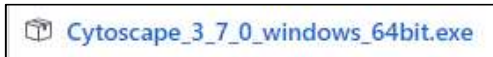
Cytoscape 3.6.0 version 이상 설치 (3.7.0 권장)
JAVA8 64bit 설치



<http://www.cytoscape.org/>



<https://github.com/cytoscape/cytoscape/releases/3.7.0/>



<http://www.oracle.com/technetwork/java/javase/downloads/jre8-downloads-2133155.html>
*회원가입/로그인필요

Overview Downloads Documentation Community Technologies Training

Java SE Runtime Environment 8 Downloads

Do you want to run Java™ programs, or do you want to develop Java programs? If you want to run Java programs, but not develop them, download the Java Runtime Environment, or JRE™.

If you want to develop applications for Java, download the Java Development Kit, or JDK™. The JDK includes the JRE, so you do not have to download both separately.

JRE 8u121 Checksum

Java SE Runtime Environment 8u121

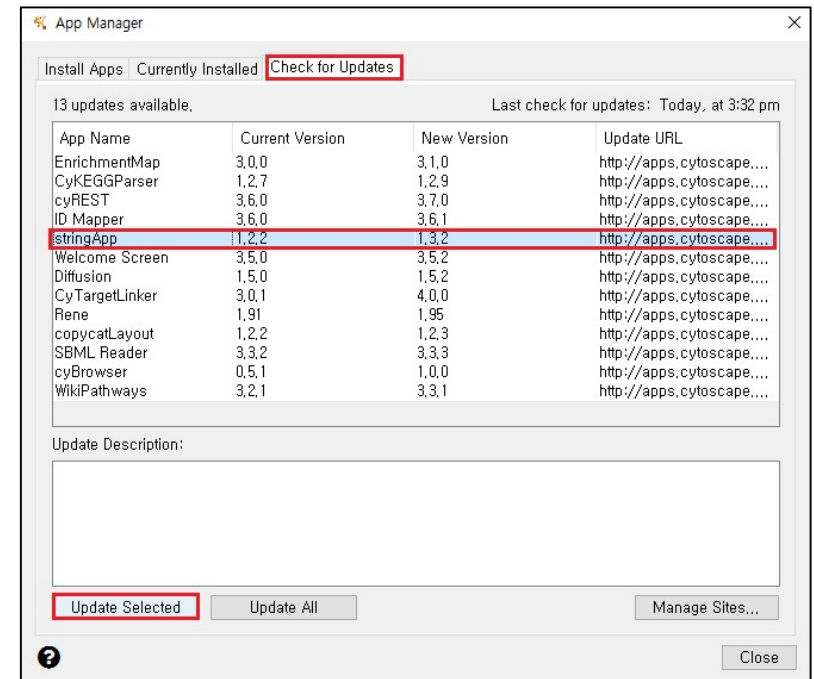
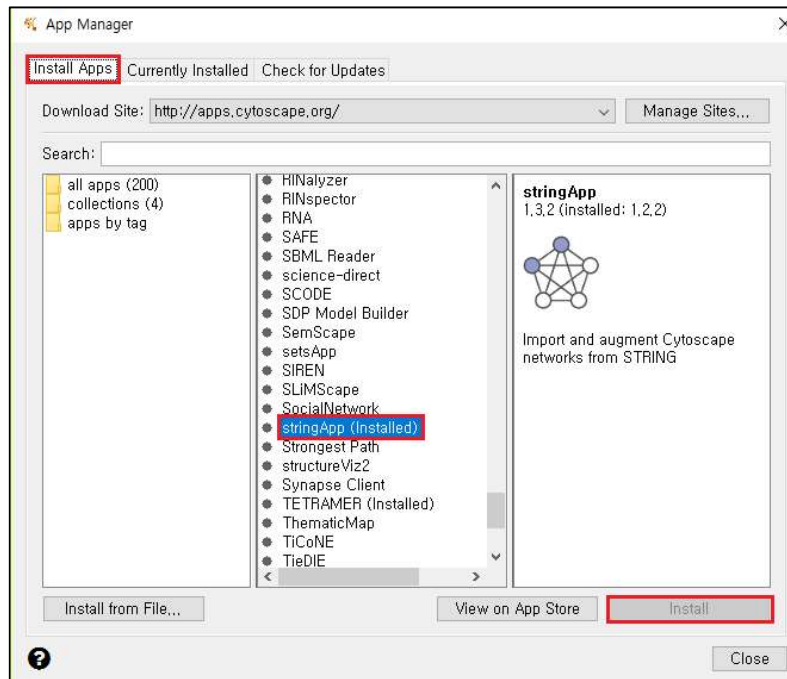
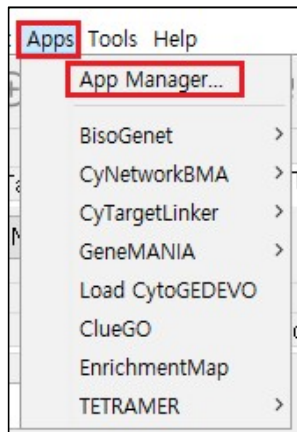
You must accept the Oracle Binary Code License Agreement for Java SE to download this software.

Accept License Agreement Decline License Agreement

Product / File Description	File Size	Download
Linux x86	56.92 MB	jre-8u121-linux-i586.rpm
Linux x86	72.76 MB	jre-8u121-linux-i586.tar.gz
Linux x64	54.39 MB	jre-8u121-linux-x64.rpm
Linux x64	70.26 MB	jre-8u121-linux-x64.tar.gz
Mac OS X	62.28 MB	jre-8u121-macosx-x64.dmg
Mac OS X	53.91 MB	jre-8u121-macosx-x64.tar.gz
Solaris SPARC 64-bit	52.05 MB	jre-8u121-solaris-sparcv9.tar.gz
Solaris x64	49.9 MB	jre-8u121-solaris-x64.tar.gz
Windows x86 Online	0.7 MB	jre-8u121-windows-i586-iftw.exe
Windows x86 Offline (32bit)	53.81 MB	jre-8u121-windows-i586.exe
Windows x86	59.17 MB	jre-8u121-windows-i586.tar.gz
Windows x64 Offline (64bit)	61.18 MB	jre-8u121-windows-x64.exe
Windows x64	62.66 MB	jre-8u121-windows-x64.tar.gz

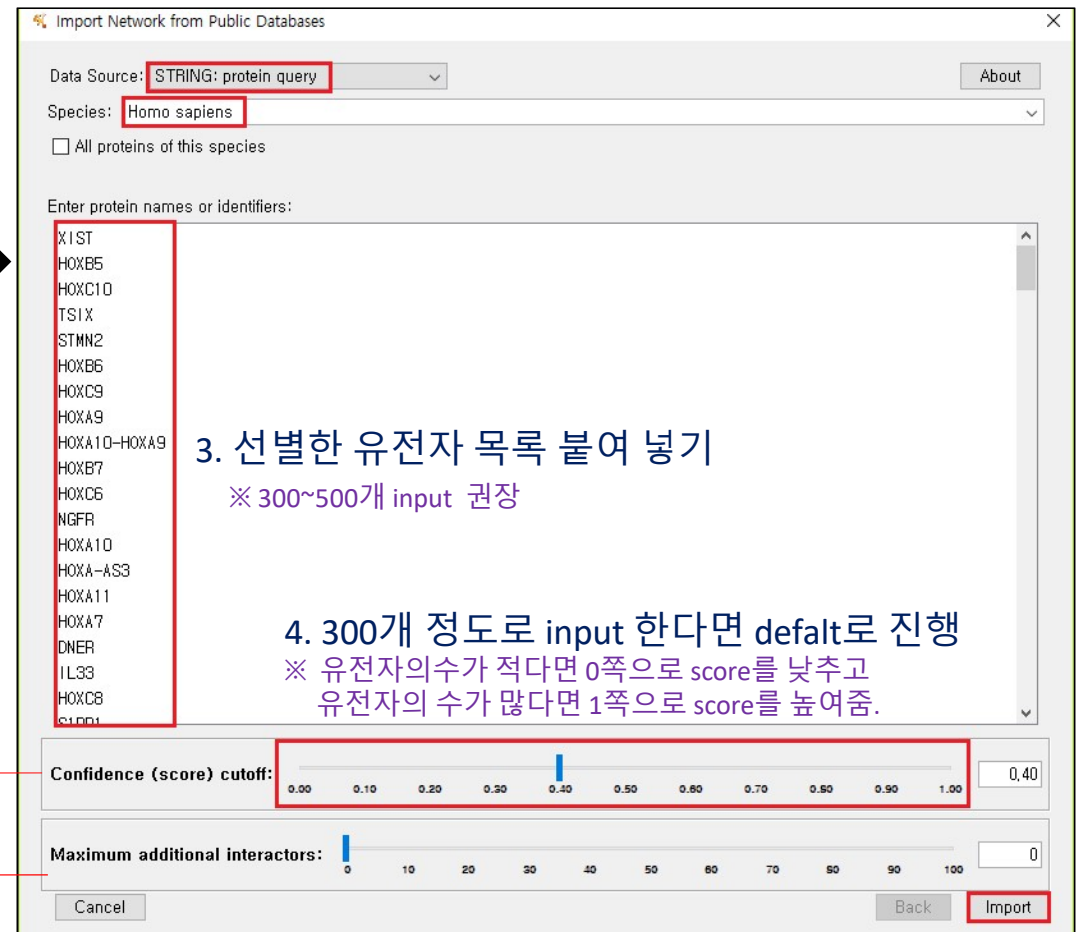
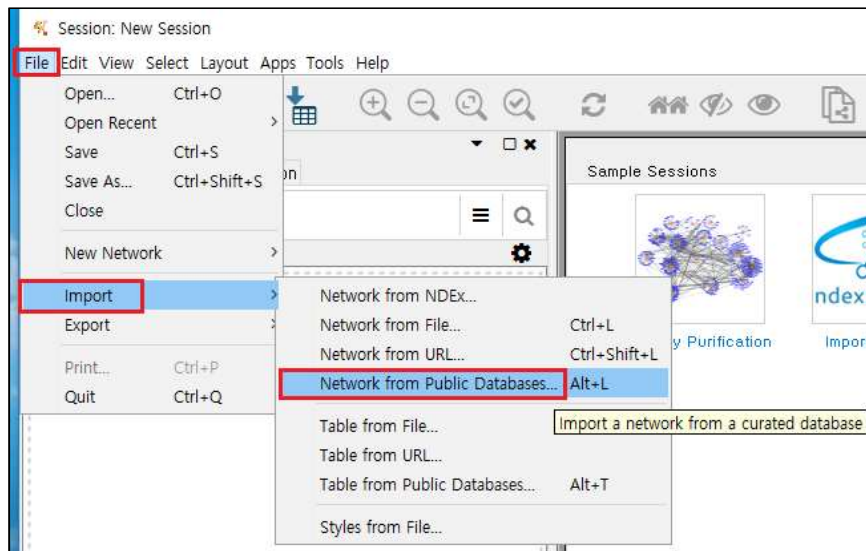
★ 설치

1. Cytoscape 실행
2. 우측상단의 [Apps] > [App Manager]
3. [Install Apps]에서 “stringApp” 설치
 - * 일상적으로 사용하다가 오류가 발생된다면 [Check for Updates]에서 “stringAll” 선택업데이트



★ 분석순서

1. 우측상단의 [File] > [Import] > [Network from Public Databases]
2. Data Source 를 “STRING : protein query” 선택 & Species 선택



3. 선별한 유전자 목록 붙여 넣기

※ 300~500개 input 권장

4. 300개 정도로 input 한다면 default로 진행

※ 유전자의수가 적다면 0쪽으로 score를 낮추고
유전자의 수가 많다면 1쪽으로 score를 높여줌.

※ Confidence (score)란,
Protein-Protein Interaction 강도를 뜻하는 것으로
0부터 1까지 이고, 1로 갈 수록 Interaction이 강함을 의미함.

※ Input하지 않은 neighborhood protein까지
네트워크되기때문에 “0”으로 두는 것을 권장

★ 분석순서

5. Input한 gene symbol과 protein 매칭한 table을 확인할 수 있음.
6. 상단에 있는 gene symbol을 클릭했을 때, 두 개 이상의 protein 이름이 나타나는 경우는 정확히 매칭되지 않는 유사 protein 을 확인하라고 함. 연구자의 선택에 따라 모두 check 또는 해지
7. 그 다음 gene symbol도 확인을 하고, 1:1 매칭이 잘 되었다면 [import] 클릭!

Import Network from Public Databases

Data Source: STRING: protein query About

Species: Homo sapiens

All proteins of this species

Multiple possible matches for some terms: Select the term in the left column to see the possibilities, then select the correct term from the table

Select	Name	Description
<input type="checkbox"/>	TSN	Translin; DNA-binding protein that specifically recognizes consensus sequences at the breakpoint junctions in chromosomal translocations, mostly involving immunoglobulin (Ig)/T-cell receptor gene segments. Seems to recognize single-stranded DNA ends generated by staggered breaks occurring at recombination hot spots
<input type="checkbox"/>	ADHFE1	Alcohol dehydrogenase, iron containing, 1; Catalyzes the cofactor-independent reversible oxidation of gamma-hydroxybutyrate (GHB) to succinic semialdehyde (SSA) coupled to reduction of 2-ketoglutarate (2-KG) to D-2- hydroxyglutarate (D-2-HG). D,L-3-hydroxyisobutyrate and L-3- hydroxybutyrate (L-3-OHB) are also substrates for HOT with 10-fold lower activities

Select Everything Clear Everything Select Everything for HOTS Clear Everything for HOTS

Confidence (score) cutoff: 0.00 0.10 0.20 0.30 0.40 0.50 0.60 0.70 0.80 0.90 1.00

Maximum additional interactors: 0 10 20 30 40 50 60 70 80 90 100

Cancel Back Import

Import Network from Public Databases

Data Source: STRING: protein query About

Species: Homo sapiens

All proteins of this species

Multiple possible matches for some terms: Select the term in the left column to see the possibilities, then select the correct term from the table

Select	Name	Description
<input checked="" type="checkbox"/>	HOXB-AS3	HOXB cluster antisense RNA 3

Select Everything Clear Everything Select Everything for HOXB-AS3 Clear Everything for HOXB-AS3

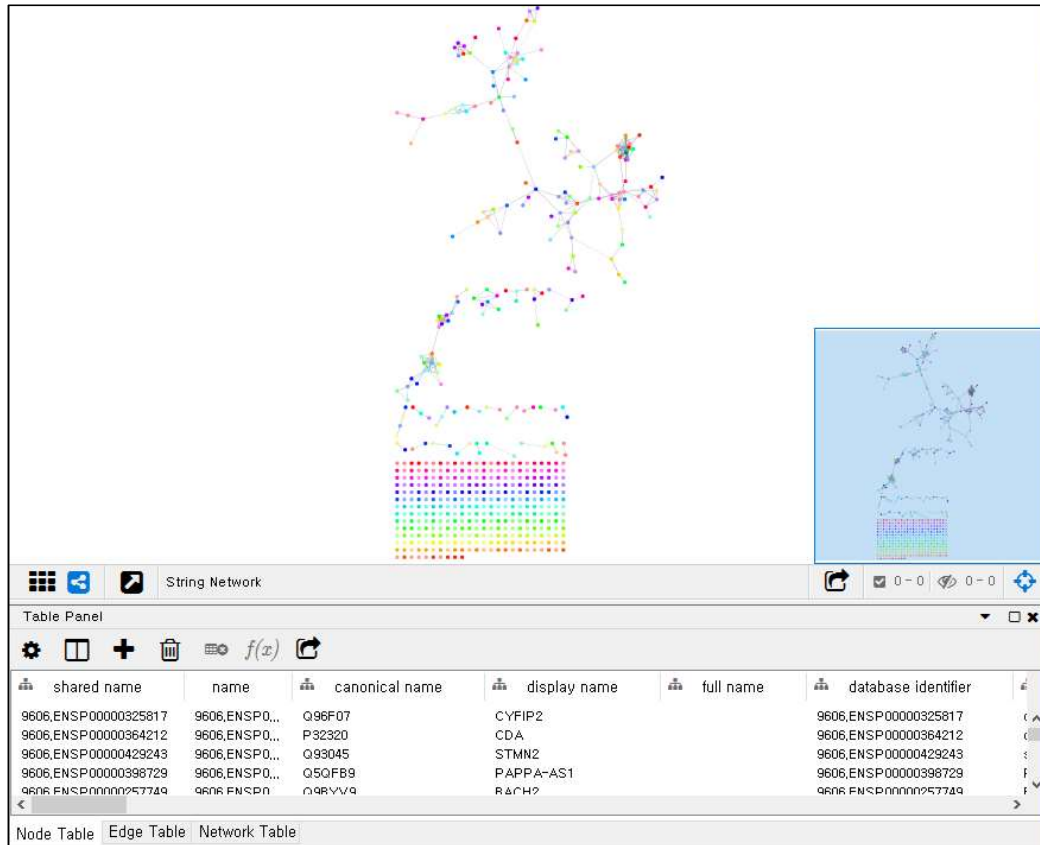
Confidence (score) cutoff: 0.00 0.10 0.20 0.30 0.40 0.50 0.60 0.70 0.80 0.90 1.00

Maximum additional interactors: 0 10 20 30 40 50 60 70 80 90 100

Cancel Back Import

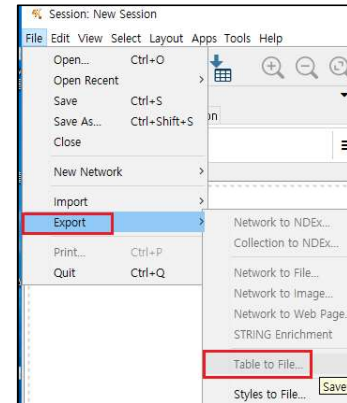
★ 분석순서

8. Network 형성 (마우스 휠을 이용하여 확대/ 축소 가능)
9. Edge Table 결과 저장하기 (interaction score 확인)



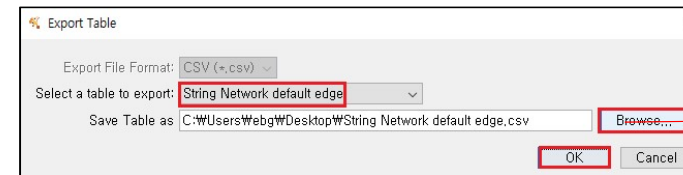
The screenshot shows the String Network software interface. At the top, there is a network graph with nodes and edges. Below the graph is a 'Table Panel' with a list of nodes. The table has columns for shared name, name, canonical name, display name, full name, and database identifier. The table is currently showing the 'Node Table'.

shared name	name	canonical name	display name	full name	database identifier
9606.ENSP00000325817	9606.ENSP0...	Q96F07	CYFIP2	9606.ENSP00000325817	9606.ENSP00000325817
9606.ENSP00000364212	9606.ENSP0...	P32320	CDA	9606.ENSP00000364212	9606.ENSP00000364212
9606.ENSP00000429243	9606.ENSP0...	Q93045	STMN2	9606.ENSP00000429243	9606.ENSP00000429243
9606.ENSP00000398729	9606.ENSP0...	Q5QFB9	PAPPA-AS1	9606.ENSP00000398729	9606.ENSP00000398729
9606.ENSP0000057749	9606.ENSP0...	Q9RUV9	RACH2	9606.ENSP0000057749	9606.ENSP0000057749



The screenshot shows the 'File' menu in the String Network software. The 'Export' option is highlighted, and the 'Table to File...' option is selected.

File> Export> Table to File...



The screenshot shows the 'Export Table' dialog box. The 'Export File Format' is set to 'CSV (*.csv)'. The 'Select a table to export:' dropdown is set to 'String Network default edge'. The 'Save Table as:' field is set to 'C:\Users\webg\Desktop\String Network default edge.csv'. The 'Browse...' button is highlighted.

저장위치선택과 파일이름기입

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
	SUID	coexpro	cooccur	database	experir	fusion	interac	intersp	name	neighb	score	selecte	shared	shared	textmix
1	701	0.397		0.9	0.961		pp		EFNB2 (pp) EPHA4		1.000	FALSE	pp	EFNB2 (pp)	0.926
2	702	0.397		0.9	0.817		pp		EFNB2 (pp) EPHB1		0.999	FALSE	pp	EFNB2 (pp)	0.887
3	961	0.929		0.9			pp		IFIT1 (pp) MX1	0.064	0.998	FALSE	pp	IFIT1 (pp)	0.722
4	700	0.397		0.9	0.76		pp		EFNB2 (pp) EPHA5		0.997	FALSE	pp	EFNB2 (pp)	0.768
5	680	0.878		0.9	0.292		pp		OAS3 (pp) IFIT1		0.996	FALSE	pp	OAS3 (pp)	0.519
6	683	0.888		0.9	0.132		pp		OAS3 (pp) MX1		0.995	FALSE	pp	OAS3 (pp)	0.506
7	935	0.892		0.9			pp		IF16 (pp) MX1		0.995	FALSE	pp	IF16 (pp) N	0.503

Interaction protein과 score

★ 이미지수정방법

1. Input파일 만들기

- (1) 새로운 엑셀파일을 열어 Gene symbol, Fold change, p-value 값을 복사하여 가져온다. (반복 실험이 아니라면 p-value는 없음.)
- (2) 새로운 열(C)을 삽입하여 Fold chang를 log2로 변환한다. ※ 수식 =LOG(B2,2)
- (3) 다른이름으로 저장할때, 파일형식을 “**텍스트 (탭으로 분리)**”로 저장

Gene Symbol	Fold change	p-value	Average of Normalized RC (log2)		Normalized RC (log2)					
	test/ control	test/ control	control	test	control1	control2	control3	test1	test2	test3
ZBTB16	1147.605	0.000	0.004	10.168	0.000	0.000	0.011	10.222	10.240	10.033
APOD	204.245	0.035	0.355	8.029	0.000	0.872	0.010	7.635	7.312	8.735
ADH1B	175.079	0.004	1.191	8.643	0.000	0.872	2.008	8.375	8.366	9.071
OMD	67.861	0.001	2.535	8.620	1.893	2.210	3.177	8.921		
FKBP5	51.189	0.000	5.850	11.528	5.399	5.629	6.347	11.408		
GPM6B	40.551	0.005	3.413	8.755	0.880	3.704	4.095	9.043		
CIDEC	35.813	0.042	0.358	5.520	0.000	0.878	0.009	4.771		

	A	B	C	D
1	Gene sym	FC	FC(log2)	p-value
2	XIST	2623.695	11.35738	0.010
3	HOXB5	750.427	9.551567	0.031
4	HOXC10	655.025	9.355406	0.004
5	TSIX	423.681	8.726834	0.021
6	STMN2	418.163	8.70792	0.037
7	HOXB6	415.154	8.697505	0.019
8	HOXC9	377.477	8.355229	0.050

※ 중복되는 이름이 없도록...
카테고리를 알맞게 기입

파일 이름(N): 통합 문서1.xlsx

파일 형식(T): Excel 통합 문서 (*.xlsx)

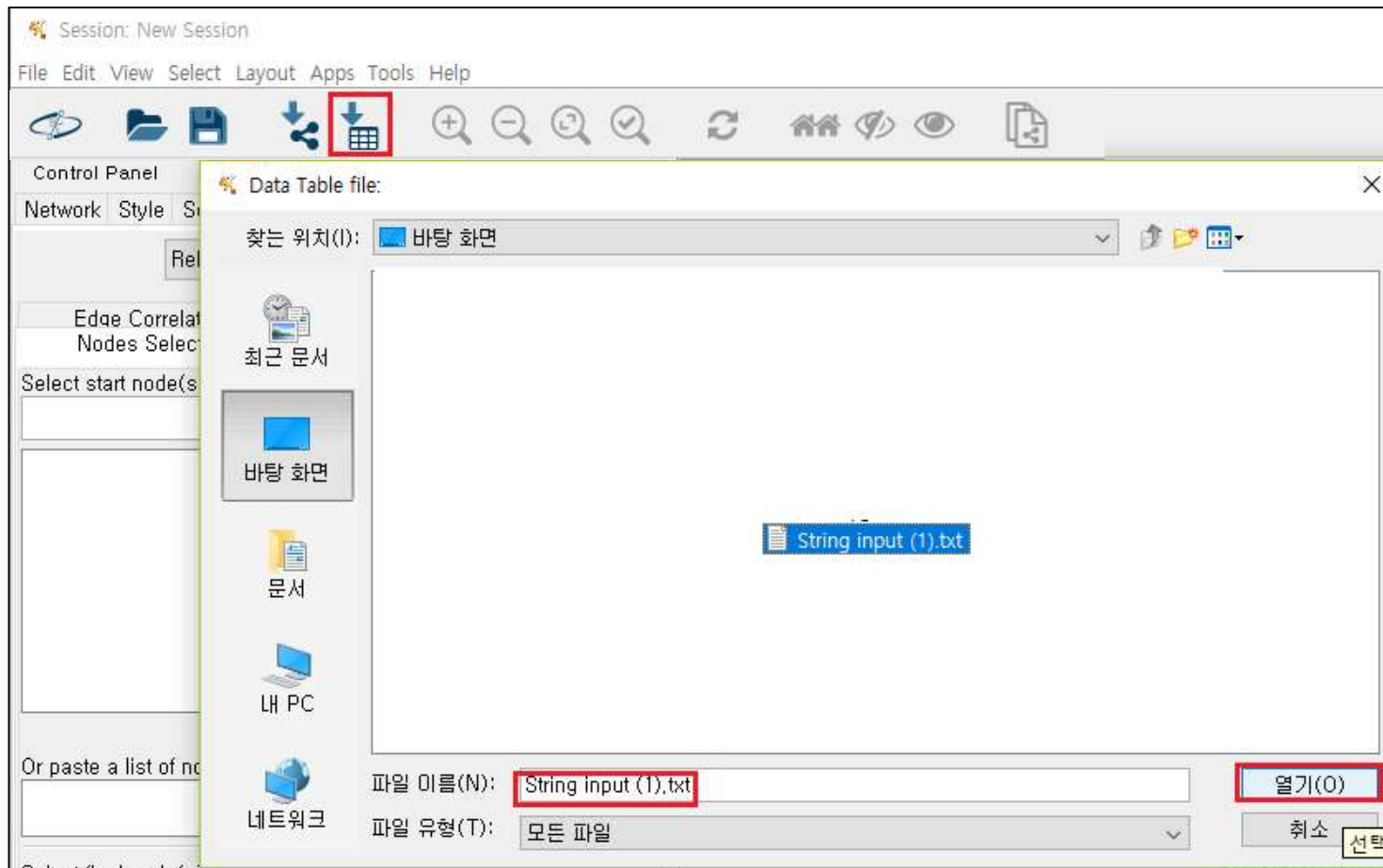
만든 이:

- Excel 통합 문서 (*.xlsx)
- Excel 매크로 사용 통합 문서 (*.xlsm)
- Excel 바이너리 통합 문서 (*.xlsb)
- Excel 97 - 2003 통합 문서 (*.xls)
- XML 데이터 (*.xml)
- 웹 보관 파일 (*.mht;*.mhtml)
- 웹 페이지 (*.htm;*.html)
- Excel 서식 파일 (*.xlt)
- Excel 매크로 사용 서식 파일 (*.xltx)
- Excel 97 - 2003 서식 파일 (*.xlt)
- 텍스트 (탭으로 분리) (*.txt)**
- 유니코드 텍스트 (*.txt)
- XML 스프레드시트 2003 (*.xml)
- Microsoft Excel 5.0/95 통합 문서 (*.xls)
- CSV (실표로 분리) (*.csv)
- 텍스트 (공백으로 분리) (*.prn)
- 텍스트 (Macintosh) (*.txt)
- 텍스트 (MS-DOS) (*.txt)
- CSV (Macintosh) (*.csv)
- CSV (MS-DOS) (*.csv)
- DIF (Data Interchange Format) (*.dif)
- SYLK(Symbolic Link) (*.slk)
- Excel 추가 기능 (*.xlam)
- Excel 97 - 2003 추가 기능 (*.xla)
- PDF (*.pdf)
- XPS 문서 (*.xps)
- Strict Open XML 스프레드시트 (*.xlsx)
- OpenDocument 스프레드시트 (*.ods)

★ 이미지수정방법

2. Input파일 불러오기

(1) 붉은색박스의 아이콘을 클릭하여 저장하였던 input파일을 연다.

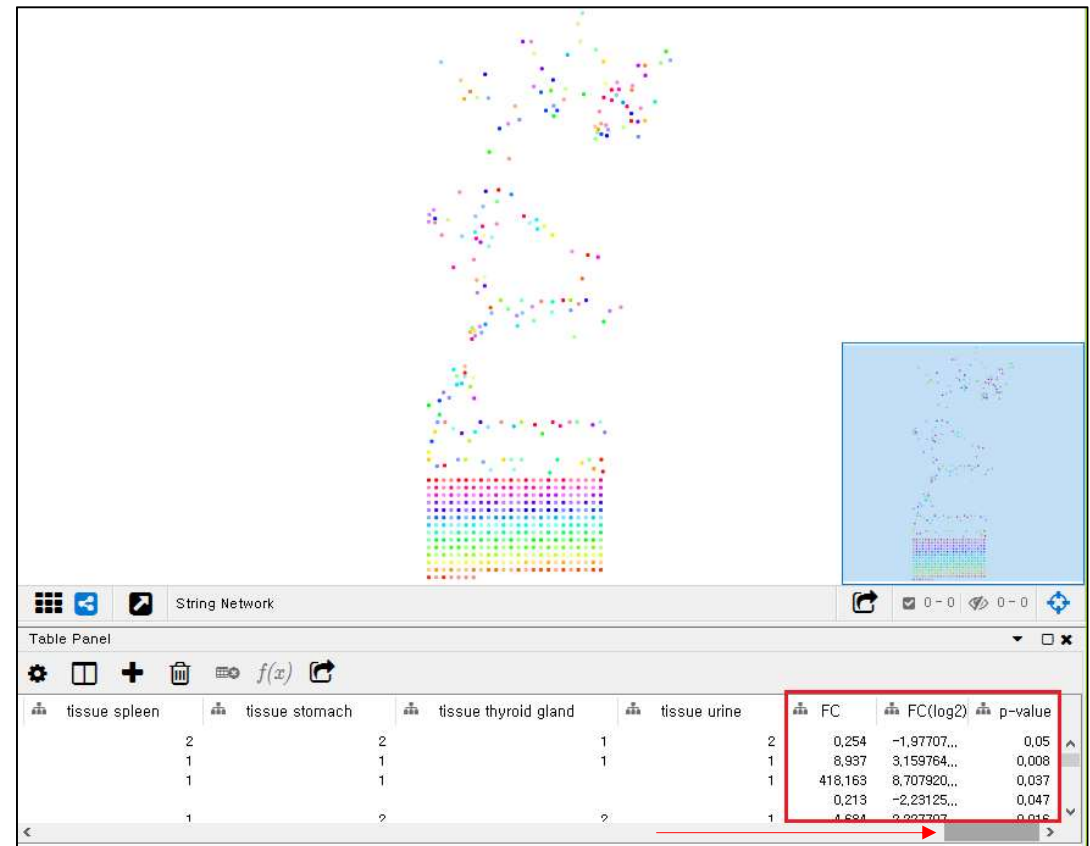
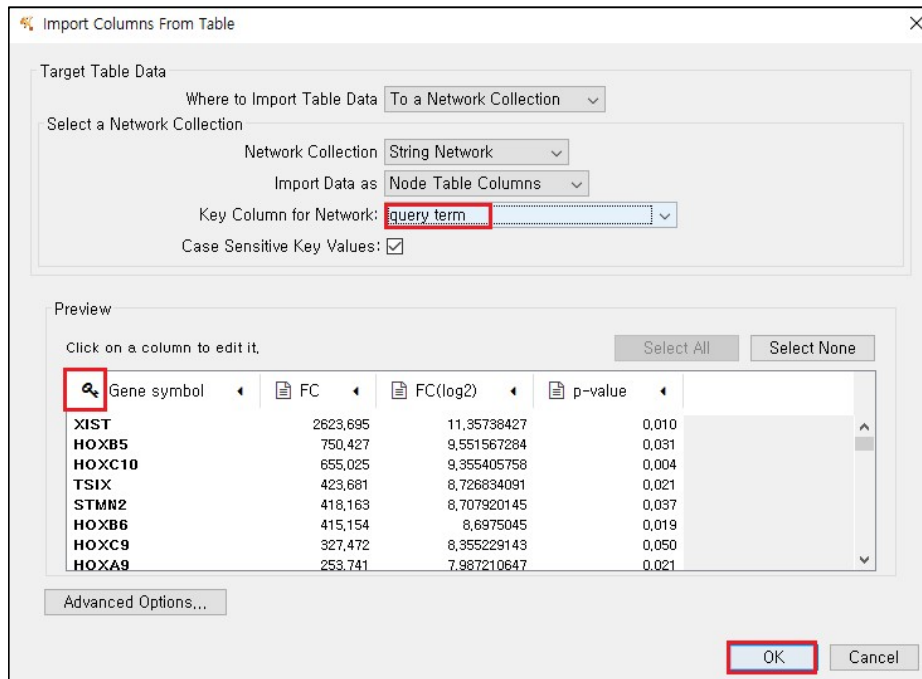


★ 이미지수정방법

2. Input파일 불러오기

(3) Key Column for Network를 'query term'으로 변경하고, Preview에서 Gene symbol앞에 Key표시가 되어있는지 확인한다.

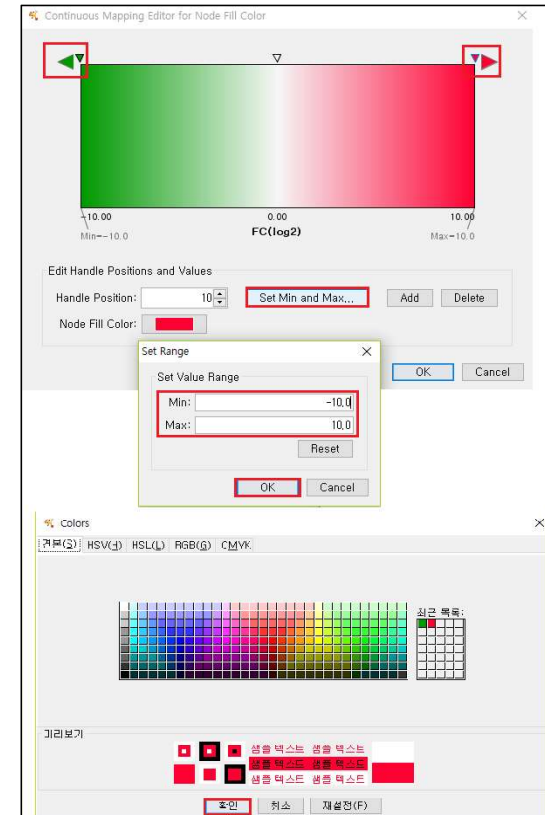
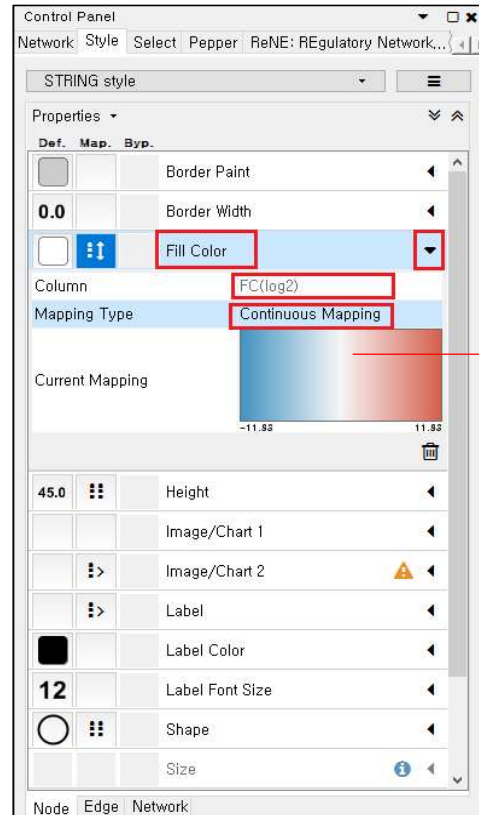
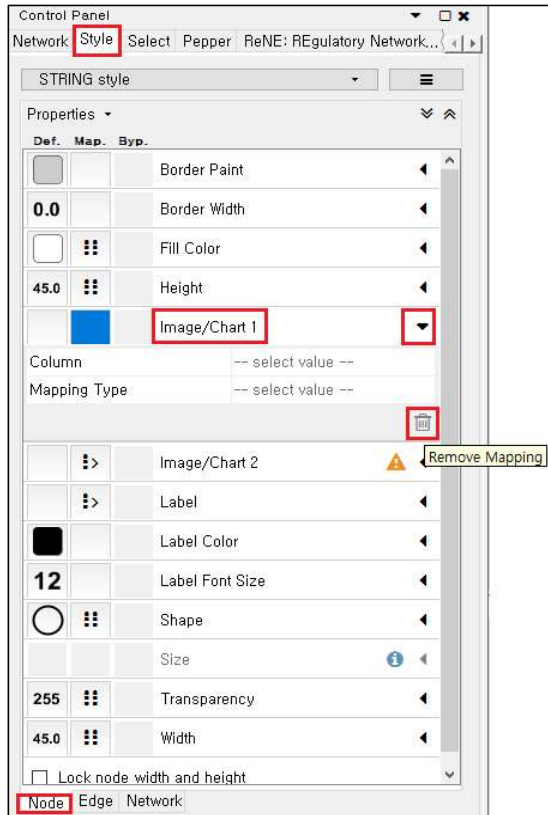
(4) Table Panel에서 맨 오른쪽으로 이동했을 때, input한 data의 값이 잘 불러와졌는지 확인할 수 있다.



★ 이미지수정방법

3. Style – Node color수정

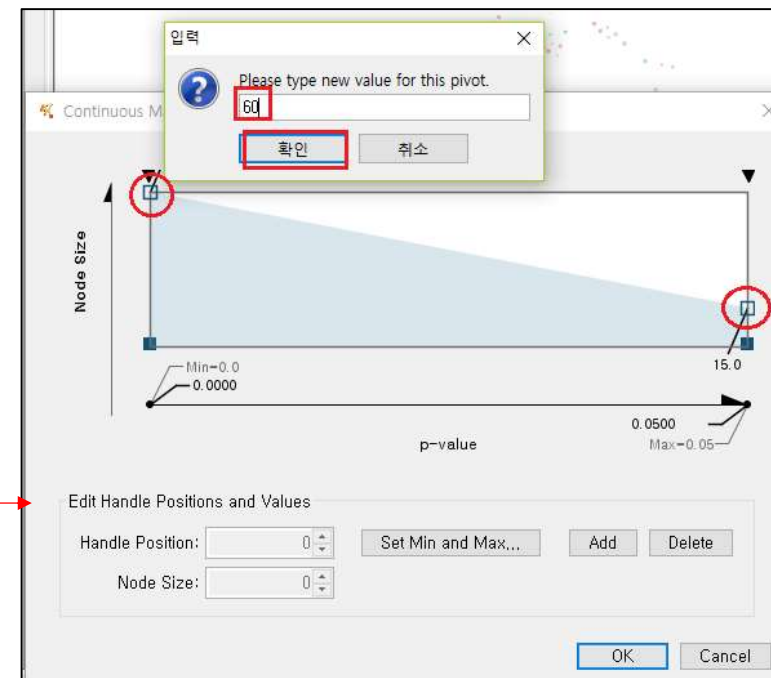
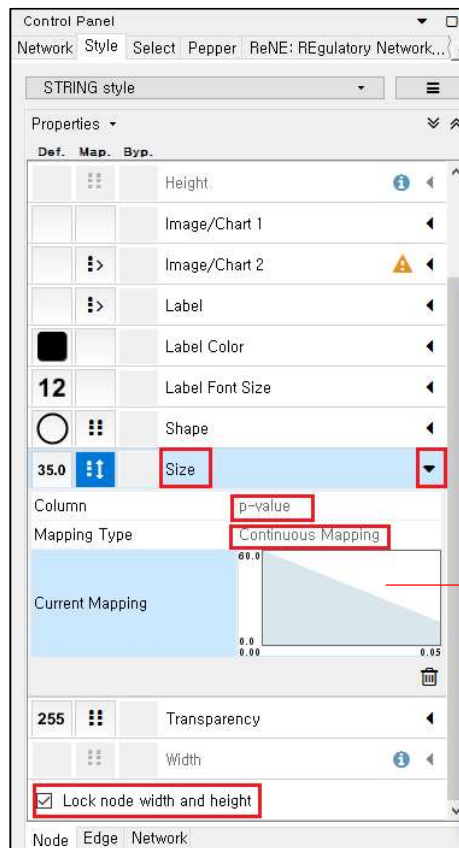
- (1) Style의 'Image/Chart 1' 에서 화살표를 눌러 휴지통이 보이면 클릭한다.
- (2) 'Fill Color'에서 *Column은 FC(log2) *Mapping Type은 Continuous Mapping으로 선택해준다. (더블클릭하면 선택항목들이 나옴.)
- (3) 'Current Mapping' 이미지를 더블클릭하면 창이 확대된다.
- (4) Min과 Max값이 정수가 되도록 설정하고, 위 화살표 4개를 각각 더블클릭하여 색을 지정한다.
(옆으로 향하는 방향은 Min Max에서 벗어나는 값의 색을 지정)



★ 이미지수정방법

4. Style – Node size수정

- (1) Style에서 'Size' 에서 *Column은 p-value *Mapping Type은 Continuous Mapping으로 선택해준다.
(Size가 활성화가 되어있지 않다면, 아래 Lock이 체크되어 있도록 함.)
- (2) 'Current Mapping' 이미지를 더블클릭하면 창이 확대된다.
- (3) 0에 가까울수록 사이즈가 커지도록 하며, 사이즈 수치 변경은 아래 붉은색 원을 클릭하여 원의 크기를 입력해준다.

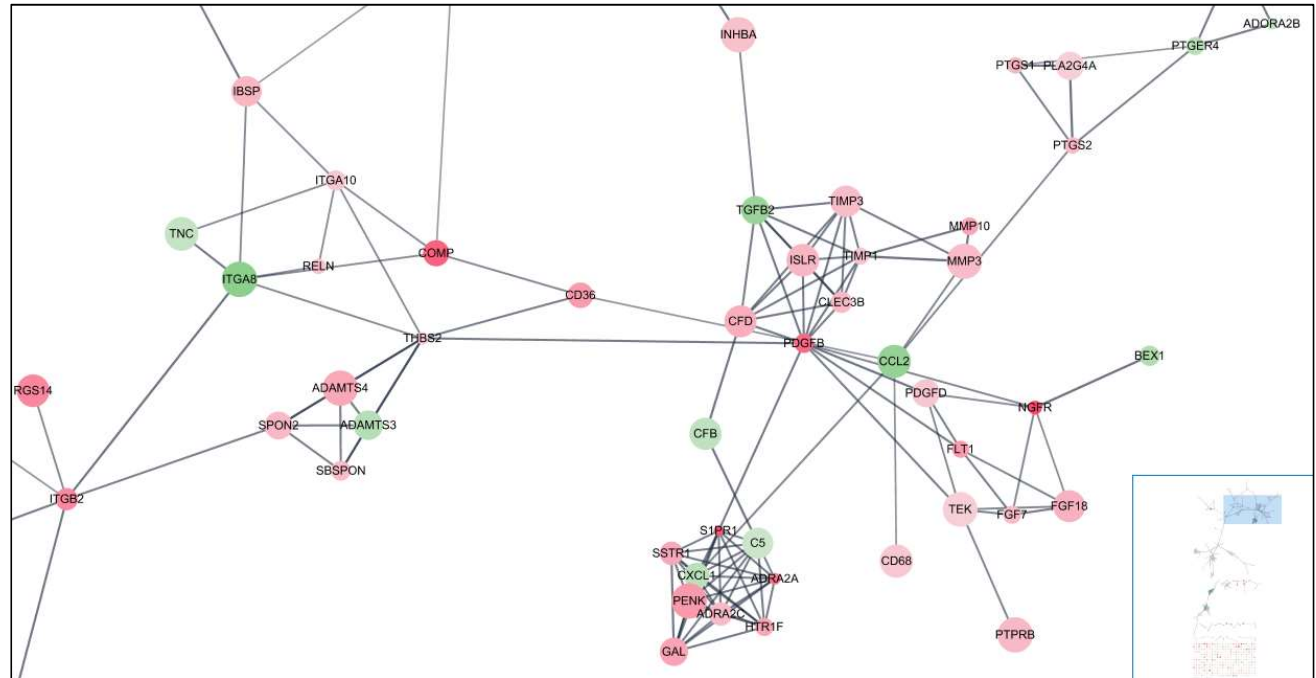
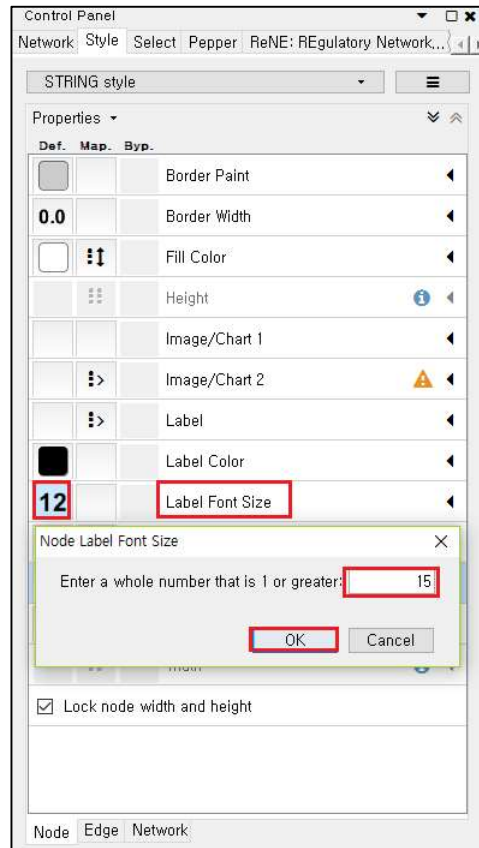


★ 이미지수정방법

4. Style – Node 글씨크기 수정

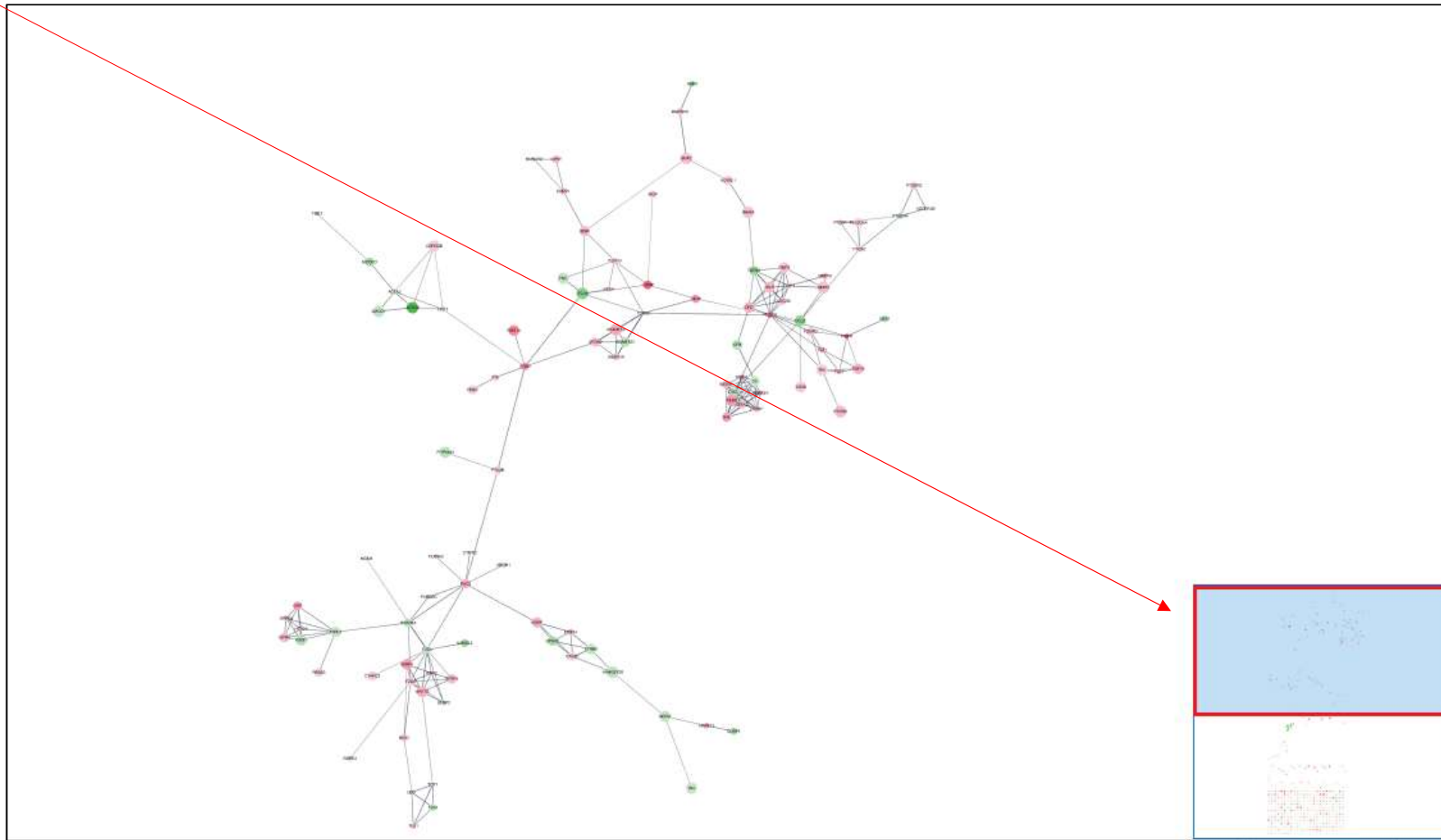
(1) Style에서 'Label Font Size' 에서 앞에 숫자를 더블클릭하여 값을 입력하여 크기를 작게 혹은 크게 변경한다.

이미지를 확대하여 보면 이미지가 Style에 따라 변경되어 있는 것을 확인할 수 있다.



★ 이미지저장방법

1. 저장 하고자 하는 이미지 영역을 확대/축소를 통해 맞춰준다.
(오른쪽 아래 네비게이션 창에서 파란색 영역이 저장되는 이미지의 영역이다.)



★ 이미지저장방법

1. [File] > [Export]> [Network to Image]
2. PDF 파일형식으로 저장하는 것을 권장한다. (확대를 하여도 이미지가 깨지지 않음.)
3. 저장위치와 파일명을 지정하여 저장한다.

